**“Linux 生物信息技术基础”课程小组总结报告**

组：G12 次：3 组长：马小凯 执笔：陈晨

**1.时间**

2023年 3 月 19 日

**2.方式**

线上腾讯会议

**3.主题**

序列相似性数据库搜索系统BLAST的应用及延展讨论

**4.内容**

BLAST全称Basic Local Alignment Search Tool，即“基于局部比对算法的搜索工具”，这是一款在生物信息学领域经常使用的一款工具。利用这款工具，我们可以做到将所输入的核酸和蛋白质序列与数据库中的已知序列或者片段进行对比比对，获得与其具有相关相似的信息，进而利用所获得的信息判断二者之间的同源关系，以及根据此进一步判断其的功能或结构同源性。

在BLAST工具中，我们对于BLAST的各种功能进行了探讨研究，包括BLASTN(基于核酸数据库的核酸序列比对)、BLASTX(核酸对于蛋白质序列库的比对)、BLASTP(蛋白序列对于蛋白序列库的比对)、BLASTN(蛋白序列对于核酸序列库的比对)。

除此之外，我们还对BLAST的应用方面进行了使用练习，以珠蛋白为例，以人血红蛋白Alpha亚基为检测序列利用BLASTP搜索了数据库中人的珠蛋白。

除了对于BLAST这种序列比对的工具讨论外，我们也对于其他的如EMBL的多序列比对工具进行了讨论。由于多序列从底层逻辑中即为创建一个多维空间，这会导致数据量的急剧增加，很难如同两条序列比对一般精准的计算出比对结果，目前所有的多序列比对工具都是采用了一种近似的算法缩短计算时间，但牺牲了准确度。但由于二者用途不同，多序列比对多为用于观测趋势等，牺牲部分准确度影响不大。

**5.问题**

暂无